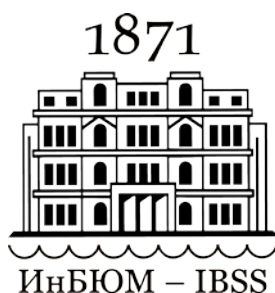


Межрегиональная общественная организация  
«Паразитологическое общество» Российской академии наук  
Институт биологии южных морей им А. О. Ковалевского РАН  
Зоологический институт РАН  
Российский фонд фундаментальных исследований

---



# **ШКОЛА по теоретической и морской ПАРАЗИТОЛОГИИ**

**VII Всероссийская  
конференция с международным участием**

9–14 сентября 2019, г. Севастополь

*Тезисы докладов*

Севастополь  
2019

УДК 576.89:597.556.333.7

## Морфологическая и генетическая изменчивость видов рода *Ligophorus* (Platyhelminthes: Monogenea) из залива Нячанг (Вьетнам)

Дмитриева Е. В.<sup>1</sup>, Водясова Е. А.<sup>1</sup>, Ермоленко А. В.<sup>2</sup>, Во Тхи Ха<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ФИЦ «Институт биологии южных морей им. А.О. Ковалевского РАН»,  
г. Севастополь, Россия; genijadmitrieva@gmail.com

<sup>2</sup>ФНЦ биоразнообразия наземной биоты юга Дальнего Востока, ДВО РАН,  
г. Владивосток, Россия

<sup>3</sup>Совместный Российско-Вьетнамский Тропический научно-исследовательский и  
технологический центр, г. Нячанг, Кхань Хоа, Вьетнам

Впервые исследована фауна *Ligophorus* Euzet & Suriano, 1977 от кефалей (Mugilidae), обитающих у южного побережья Вьетнама. Обследовано 77 экз. 8 видов кефалей и у них найдено 8 видов *Ligophorus*. *Ligophorus leporinus* (Zhang & Ji, 1981) найден у *Valamugil speigleri*, *V. formosae*, *Planiliza macrolepis* и *Moolgarda seheli*. Полученные последовательности генов 28S и 18S рРНК показали совпадение с имеющимися в базе GenBank NCBI данными для *L. fenestrum* Soo et Lim, 2012 от *Crenimugil buehneri* из Малаккского пролива. Морфологически найденные особи соответствуют описаниям *L. leporinus*, *L. fenestrum* и *Kribotrema rectangulus* Sarabeev et al., 2015, на основании чего предложена синонимизация этих видов. *Ligophorus bykhowskyi* Dmitrieva et al., 2012, найденный у *M. seheli*, морфологически идентичен описанию этого вида от *Crenimugil crenilabris* из Красного моря. Однако полученные последовательности 18S и 28S рРНК генов на 99 % совпали с данными GenBank NCBI, относящимися к *Ligophorus grandis* Soo, Tan & Lim, 2015, предложена его синонимизация с *L. bykhowskyi*. *Ligophorus bipartitus* Dmitrieva et al., 2012 найден у *V. formosae*, *Planiliza subviridis* и *Paramugil parmatius*, *Ligophorus liewi* Soo, Tan & Lim, 2015 и *Ligophorus kedahensis* Soo & Lim, 2012 – у *M. seheli*. Три вида идентифицированы как новые: *Ligophorus* n. sp. 1 от *Chelon planiceps*, *V. formosae* и *Pl. macrolepis*, *Ligophorus* n. sp. 2 от *P. parmatius* и *Ligophorus* n. sp. 3 от *M. seheli*. Сравнение последовательностей 28S и 18S рРНК, полученных от этих видов, с данными GenBank NCBI не выявило значимых совпадений с известными *Ligophorus* spp. Для *L. leporinus*, *L. bykhowskyi*, *L. kedahensis*, *L. liewi* и *Ligophorus* n. sp. 3 получены также последовательности митохондриального гена CO1. Обсуждается влияние разных районов и видов хозяев на морфологическую и генетическую изменчивость видов *Ligophorus*.

Исследование поддержано финансированием по теме №AAAA-A18-118020890074-2 госзадания ФГБУН ИМБИ и теме ЭКОЛАН 3.1 госзадания Совместного российско-вьетнамского тропического центра.

## Morphological and molecular variability of *Ligophorus* (Platyhelminthes: Monogenea) species from Nha Trang Bay (Vietnam)

Dmitrieva E.<sup>1</sup>, Vodiasova E.<sup>1</sup>, Ermolenko A.<sup>2</sup>, Võ Thị Hà<sup>3</sup>

<sup>1</sup>A.O. Kovalevsky Institute of Biology of the Southern Seas RAS, Sevastopol, Russia;  
genijadmitrieva@gmail.com

<sup>2</sup>FSC the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern Branch of RAS, Vladivostok, Russia

<sup>3</sup>Vietnam-Russia Tropical Centre, Nha Trang, Khanh Hoa, Viet Nam

Eight species of Mugilidae from the Nha Trang Bay were examined for the first time and 8 species of *Ligophorus* were found, namely *L. leporinus*, *L. bipartitus*, *L. bykhowskyi*, *L. liewi*, *L. kedahensis*, 1 new species in *Chelon planiceps*, *V. formosae* & *Pl. macrolepis* and 2 new spp. in *P. parmatius* and *M. seheli*, correspondingly. The influence of different regions and host species on the morphological and molecular variability of the species of this genus is discussed.